

Año: 2021

Título artículo:

A SNP assay for assessing diversity in immune genes in the honey bee (*Apis mellifera* L.)

Revista, volumen, páginas:

Scientific Reports (2021) 11:15317

<https://doi.org/10.1038/s41598-021-94833-x>

Autores:

Dora Henriques, Ana R. Lopes, Nor Chejanovsky, Anne Dalmon, Mariano Higes, Clara Jabal-Uriel, Yves Le Conte, Maritza Reyes-Carreño, Victoria Soroker, Raquel Martín-Hernández & M. Alice Pinto

RESUMEN:

Con un número creciente de parásitos y patógenos que expanden su área de distribución a gran escala, el seguimiento de la diversidad de los genes inmunitarios de las poblaciones hospedadoras nunca ha sido tan importante porque puede informar sobre el potencial adaptativo para resistir a los invasores.

Los estudios poblacionales de los genes relacionados con la inmunidad se están convirtiendo en algo habitual en muchos organismos, pero no en la abeja melífera (*Apis mellifera* L.), una especie polinizadora clave que se ha visto gravemente afectada por las invasiones biológicas. En este trabajo se han identificado los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) en una amplia gama de genes inmunitarios de la abeja melífera y se ha desarrollado un ensayo de densidad media dirigido a un subconjunto de estos genes. Utilizando un panel de 123 genomas completos, que representan siete subespecies de *A. mellifera* y tres linajes evolutivos, se examinaron 180 genes relacionados con la inmunidad en busca de SNPs en los exones, intrones (< 4 bp de los exones), 3' y 5'UTR, y < 1 kb en sentido contrario desde el punto de inicio de la transcripción. Tras la aplicación de múltiples criterios de filtrado y validación, el ensayo final de densidad media diseñado combina 91 SNP funcionales de calidad probada, marcando 89 genes innatos, que pueden tipificarse fácilmente con el sistema iPLEX MassARRAY de alto rendimiento. Este ensayo de SNP de densidad media se aplicó a 156 muestras de cuatro países y el análisis agrupó las muestras según su linaje y subespecie, lo que sugiere que la ascendencia de las abejas melíferas puede delimitarse a partir de la variación funcional. Además de permitir el análisis de la variación inmunogenética, este nuevo ensayo de SNP puede utilizarse para inferir la estructura genética y la mezcla en la abeja melífera.

Este trabajo se ha desarrollado en el marco del proyecto europeo BEEHEAL, coordinado por el CIAPA, dentro de la convocatoria ARIMNet2 (ERA-NET) ha recibido financiación del Séptimo Programa Marco de Investigación, Desarrollo Tecnológico y Demostración de la Unión Europea mediante el acuerdo de subvención nº 618127.